



Proposition d'un sujet de stage au M2 ADAM (2017-2018)

Titre	Analyse fonctionnelle de gènes candidats impliqués dans la résistance de <i>Medicago truncatula</i> à l'oomycète racinaire <i>Aphanomyces euteiches</i>.
Encadrant 1 (tel + mail)	Prof. Christophe JACQUET jacquet@lrsv.ups-tlse.fr – 05-34-32-38-14
Equipe(s)	« Immunité végétale et effecteurs » - LRSV
Résumé	<p><i>Aphanomyces euteiches</i> est un oomycète qui entraîne des pourritures racinaires sur de nombreuses légumineuses cultivées. Il est notamment l'agent pathogène racinaire le plus important économiquement sur pois en France. Pour identifier plus facilement les mécanismes moléculaires et les gènes impliqués dans la résistance des légumineuses à ce parasite, l'équipe a développé un pathosystème mettant en jeu la légumineuse modèle <i>Medicago truncatula</i>. Des approches transcriptomiques et cytologiques (Badis et al., 2015) et génétiques (Bonhomme et al., 2014 et Bonhomme et al., non publié) ont notamment permis d'identifier plusieurs gènes candidats potentiellement impliqués dans la résistance quantitative à <i>A. euteiches</i>.</p> <p>L'objectif du stage de M2R sera de mettre en place des stratégies et des outils permettant de caractériser deux gènes candidats majeurs codant potentiellement un analogue de gène de résistance (de type NBS-LRR) et une kinase. Outre une analyse détaillée de l'expression de ces gènes au cours d'une cinétique d'infection dans des plantes sensibles et résistantes, il s'agira par ailleurs de réaliser différentes constructions permettant la surexpression ou l'extinction de ces gènes après la transformation de racines (hairy roots) de lignées sensibles ou résistantes. Des expériences d'inoculation avec <i>A. euteiches</i> de ces racines transformées devront ensuite permettre d'estimer des modifications éventuelles du niveau de résistance et ainsi de confirmer ou infirmer le rôle des gènes candidats dans la résistance à l'oomycète.</p> <p><u>Approches et techniques utilisées pendant le stage</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - Biologie moléculaire : qRT-PCR, clonage Goldengate de gènes dans différents vecteurs, bioanalyses de séquences - Biotechnologie : transformation génétique et multiplication de racines par <i>Agrobacterium rhizogenes</i>, expression transitoire de différentes constructions par agroinfiltration - Microscopie inversée et confocale - Phytopathologie : culture et inoculation d'<i>A. euteiches</i>, phénotypage de plantes et racines infectées par analyse d'image, microscopie et dosage moléculaire ou biochimique du microorganisme. <p><u>Bibliographie citée :</u> Badis et al., Mol. Plant Pathol., 2015 Bonhomme et al., New Phytol, 2014</p>
Photo	